第5卷第1期增刊 动物学研究 Vol.5, No.1
1984年2月 ZOOLOGICAL RESEARCH Feb., 1984

哺乳动物染色体研究

陈宜峰 郭健民
(中国科学院昆明动物研究所)

一、前 言

现存的生物是由其过去的祖先类型发展进化而来的，动物和植物都是如此。长期以来，通过各个不同学科，其中包括分类学、形态学、胚胎发生学、形态—地理学以及古生物学等诸方面的研究与比较分析，现在已基本上揭示了生物的进化规律。近年来，随着细胞遗传学的深入发展，愈来愈多的生物学家又逐渐认识到作为遗传信息载体的染色体，非但其数目和形态结构具有种的特性，而且还反映出生物的进化历史。因此，从现存物种的染色体研究和比较分析中以探求种群的进化路线，显然对于分类学和系统发生的研究是十分重要的。

迄今为止，关于哺乳动物核型的研究已积累了丰富的资料，发表于世界各种书刊杂志。为了扩展对各种动物核型的了解，促进国内动物细胞遗传学的研究，我们兹将所查阅的有关哺乳动物的核型资料加以综合分析，以供参考。

二、研究历史与现状

(一) 研究历史

回顾哺乳动物染色体的研究，已有较长的历史。不过直到本世纪五十年代之前，由于染色体技术方法的限制，其研究却始终进展缓慢。根据Matthey的(1953)[6]统计，当时进行过染色体研究的哺乳动物（不包括有袋类动物）只有104个种。其后随着染色体技术的逐步改进，才促使哺乳动物染色体研究不断有着新的发展(见表1)。特别是从70年

表1 不同年代的哺乳动物核型研究的统计资料[5][6]

年 代	已研究的种和亚种数目	参 考 文 献
1953	114	Matthey (1973), Sharman(1973)
1960	277	〃
1970	1231	〃
1983	2007	本文作者

代以来，不仅核型研究的报导有了新的增加，而且随着染色体各种分带技术的出现，又把核型分析引向更精确的程度。所有这些都日益加深了我们对生物进化及其机制的研究与认识。

值得提出的是国内哺乳动物细胞遗传学研究，解放后也有着相应的发展。早在60年代初，吴旻实验室就研究过多种啮齿类动物的核型；复旦大学赵寿元等人（1964）也报导过猕猴（*Macaca mulatta*)的正常核型。尤其从70年代开始，这方面的研究又有了新的进展，如陈宜峰等人(1976；1978；1980；1981等)[2]关于中国灵长类染色体的研究；施立明等人(1976；1979；1981等)[3,4]和王宗仁等人（1982)[1]关于鹿科动物染色体的研究等。总之，目前国内已研究过的各种哺乳动物，包括食虫目、灵长目、鳞甲目、兔形目、啮齿目、食肉目、奇蹄目和偶蹄目共56个种和亚种。

（二）研究现状

目前世界上现存的哺乳动物共有19目约129科4007种。其中进行过染色体研究或核型分析的有2007种和亚种（表2）。

另外，现阶段哺乳动物的核型鉴定，除了常规无带分析外，有带核型（包括G-、C-

表2　现存哺乳动物科、种数目和作过染色体研究的种（或亚种）数目

目	科	种	已研究过染色体**的种（或亚种）数
单孔目 (Monotremata)	2	3	2
有袋目 (Marsupialia)	16	254	128
贫齿目 (Edentata)	3	29	11
食虫目 (Insectivora)	7	358	93
皮翼目 (Dermoptera)	1	2	2
翼手目 (Chiroptera)	19	950	247
灵长目 (Primates)	12	195	188
食肉目 (Carnivora)	8	240	172
鳍脚目 (Pinnipedia)	3	34	23
鲸　目 (Cetarea)	9	76	31
海牛目 (Sirenia)	2	5	1
长鼻目 (Proboscidea)	1	2	2
奇蹄目 (Perissodactyla)	3	17	13
蹄兔目 (Hyracoidea)	1	5	1
管齿目 (Tubulidentata)	1	1	1
偶蹄目 (Artiodactyla)	10	184	147
鳞甲目 (Pholidota)	1	7	2
啮齿目 (Rodentia)	28	1591	907
兔形目 (Lagomorpha)	2	54	36
总　计	129	4007	2007

*本表分类系统主要参考G. B. Corbet and J. E. Hill (eds.) A World List of Mammalian Species, London and Ithaca, 1980.

**鉴于篇幅所限，每个种和亚种的核型描述将另行发表。

和R带等）的研究也逐渐增多。为了便于交流，国际上已就三种猩猩、猪、大鼠和家兔等动物的有带核型作了统一规定及命名。

三、核 型 研 究

（一）染色体数目和形态

在细胞遗传学研究的早期阶段，人们似乎并不认识染色体数及其在进化方面的意义。现在看来这种观点已不再是正确的了，而且许多事实表明，染色体数目所经过的进化上的改变是比较复杂的。由于进化的原因，一般同一种的所有个体都有着相同的染色体数目和形态，而不同种的动物则有着不同的染色体数目和形态。这就是染色体具有的种的特性。

总观已研究的所有哺乳动物染色体数目，可以看出其大多数都介于30—60之间。多于或少于此范围者均为少数。其中，染色体数目最少的是偶蹄目鹿科麂属的赤麂（*Muntiacus muntjak*），2n＝7♂，6♀。而具有最多染色体的种为啮齿类的食鱼鼠（*Anotmys leander*），2n＝92。为什么哺乳动物染色体数目都被限制在如此狭窄的范围内？目前尚不十分了解，不过很可能同进化和细胞分裂机制有关。

在哺乳动物中，染色体数目分布有一个突出的特点，即有袋类动物二倍体染色体数目显著偏低，大多数都在14—22之间。至于其他各类哺乳动物的染色体数目分布范围皆表示于图1之中。然就大体而言，有蹄类、食肉类具有较高的染色体数目，而食虫、啮齿、翼手以及灵长类则相对具有较低的染色体数目。

至于染色体形态与染色体数目一样，在进化上也具有重要意义。大量研究表明，在进化上引起染色体形态改变的结构重组主要有：着丝粒融合、相互易位、倒位和串联易

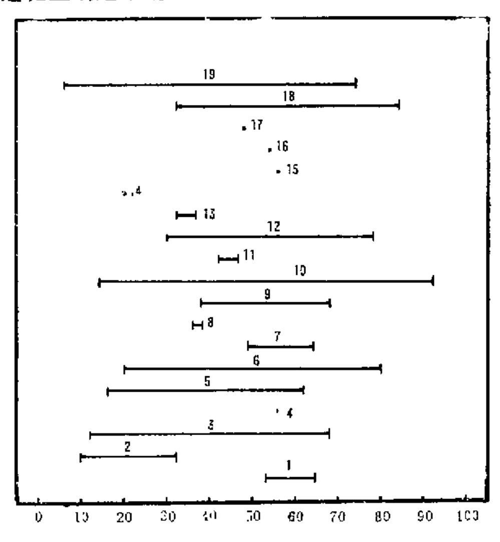


图1 哺乳动物二倍体染色体数目的分布范围

1.单孔目，2.有袋目，3.食虫目，4.皮翼目，5.翼手目，6.灵长目，7.贫齿目，8.鳞甲目，9.兔形目，10.啮齿目，11.鲸目，12.食肉目，13.鳍脚目，14.管齿目，15.长鼻目，16.蹄兔目，17.海牛目，18.奇蹄目，19.偶蹄目。

位等。根据Stock等人（1973）的研究，发现猕猴和非洲绿猴的核型差异是由于一系列的着丝粒融合和相互易位造成的。而赤麂的染色体则是由于串联易位的结果（施立明等，1979）。类似的情况也见于其他动物。一般而言，若动物的二倍体染色体数目愈多，则末端着丝粒染色体数目也愈多，反之则中或近中着丝粒染色体数目就相应增加。

另外在染色体形态分析时，常涉及如下三个测量参数，即相对长度、臂比和着丝粒指数。不过染色体形态主要是依据臂比的大小，一般均按Levan等人（1964）提出的标准，具体如表3所述。

表3 染色体臂比及其形态分类

着丝粒位置	臂 比	染色体形态名称
中间区域	1.0—1.7	M＝中着丝粒染色体
中间附近	1.7—3.0	SM＝近中着丝粒染色体
靠近末端	3.0—7.0	ST＝近端着丝粒染色体
末端区域	7.0—∞	A＝末端着丝粒染色体

（二）常染色体

常染色体是指核型中除性染色体之外的全部染色体。

1.多态现象　染色体多态是比较普遍的现象，但此处所讲的多态是在同一个种群中，某些染色体所存在着的二种或多种形态的现象。染色体多态又分平衡性多态和地理性多态。具有常染色体多态的哺乳动物有食虫、翼手、灵长和啮齿类等（表4）。

2.超数染色体　超数染色体又称B染色体，它是除生物特有的整套染色体之外的多余染色体，其数目不定。过去一般认为它不对表型发生影响，但近年来的研究表明B染色体则具有一定的适应性意义。B染色体在植物及昆虫中比较多见，而在哺乳动物中则分布极少，如*Vulpes vulpes*（食肉目）和*Rattus fuscipes*（啮齿目）等。

（三）性染色体

性染色体可以通过很多方法加以鉴别，其中包括形态比较、减数分裂、DNA复制以及各种染色体带型分析等。然由于性染色体进化途径不同，则呈现出复杂的变化，其类型如下：

1.XX—XY类型

绝大多数哺乳动物都属于这一类型。雌性为XX，雄性为XY。X和Y染色体的形状可以同时都为M或SM或ST或A，也可以不同。如小鼠的X和Y染色体同为A，而树鼩的X和Y染色体则分别为M和A等等。一般说，X染色体皆大于Y染色体，而小于同一核型中的第一对常染色体。在性染色体和常染色体之间，无论其大小和形状也没有任何相关可寻。

2.同形X和Y类型

同形性染色体之确定，需要作特殊分析（如带型比较等），否则X和Y染色体就无

表 4 **常染色体呈现多态的哺乳动物**

种类	2n ♀	2n ♂	参考文献
食虫目 (Insectivora)			
鼩鼱科 (Soricidae)			
Sorex arcticus	36	37	Козловский (1971).
——	33	35	Анисвий, и др. (1980).
Suncus murinus	35—40	35—40	Aswathanaryana et al. (1979)
翼手目 (Chiroptera)			
美洲叶鼻蝠科 (Phyllostomidae)			
Mimon crenulatum	32	32	Baker et al. (1970, 1972)
灵长目 (Primates)			
懒猴科 (Lorisidae)			
Galago senegalensis braccatus	36—38	36—38	Hsu et al. (1977)
啮齿目 (Rodentia)			
Cricetidae科			
Oryzomys nigripes	62	62	Hsu et al. (1977)
O. sybflavus	54—56	54—56	Hsu et al. (1977)
Peromyscus mauiculutus hollister	48	48	Arakaki et al. (1965)
Akodon arviculoides	14	14	Youenaga (1972)
Sigmodon fulviventer	30, 29, 28		Matthey (1970)
Alticola lemminus	56	56	Bykova et al. (1978)
Microtus juldaschi carruthersi	54	54	Гилева, и др. (1970).
M. j. juldashi	54	54	Гилева, и др. (1970).
Lagurus lagurus abaconicus	54	54	Погосяни, и др. (1968)
Tatera indica hardwicki	68	68	Aswathanarayana et al. (1981)
鼠科 (Muridae)			
Arvicanthis niloticus		56	Matthey (1964)
Rattus rattus	42	42	Markvong et al. (1973)
R. r. diardii	42	42	Yong et al. (1970)
R. r. jalorensis	42	42	Markvong et al. (1973)
R. r. robinsoni	42		Markvong et al. (1973)
R. remotus		42	Markvong et al. (1973)
R. verreauxi	42	42	Matthey (1965)
Pseudomys australis	48	48	Hsu et al. (1977)
P. delicatulus	48	48	Hsu et al. (1977)
P. gracilicandatus	48	48	Hsu et al. (1977)
P. hermannsburgensis	48	48	Hsu et al. (1977)
Mus dunni	40	40	Matthey et al. (1968)
M. pahari	46	46	Markvong et al. (1972)
M. shortridgei	46	46	Markvong et al. (1973)
Mastomys matalensis	32	32	Matthey (1966)
Mastacomys sp.	38		Matthey (1965)

法区分，其核型也只能依其大小递减的顺序加以排列。啮齿类的*Ellobius talpinus*和*E. alacius*就是属于性染色体同形的动物（Ляпунова等，1978）。

3.XO—XX和XO—XY类型

此种类型仅见于四种有袋动物，其性细胞和体细胞表现为性染色体嵌合(表5)。这种现象可能是由于雌雄两性的X和Y染色体在胚胎发育的早期阶段丢失所致（Hayman和Maritin，1969；Hayman等1970）。

表5　在成年有袋动物（Peramelidae）不同组织中的二倍体数目和性染色体组成

种　类	性别	组　织	2n	性染色体
*Isoodon macrourus*和*I. obesulus*	♀，♂	骨髓	13	XO
		白细胞	13	XO
		脾脏	13	XO
		角膜上皮	13	XO
	♂	睾丸	14	XY
	♀	卵巢组织	14	XX
*Perameles nasuta*和*P. gunni*	♀，♂	骨髓	13	XO
		白细胞	13	XO
		脾脏	13	XO
		角膜上皮	14	XX；XY
	♂	睾丸	14	XY
	♀	卵巢组织	14	XX
Peroryctes longicauda	♀	角膜上皮	14	XX
		脾脏	13	XO
Echymipera kalabu	♀，♂	骨髓	13	XO
		脾脏	13	XO
		角膜上皮	14	XX；XY
	♂	睾丸	14	XY

4.XX—XY_1Y_2类型

该类型是由于X染色体和常染色体（A）发生易位造成的。在这种动物中，X染色体为X/A，Y_1仍为原来的Y，Y_2则是易位常染色体的另一个同源染色体（图2）。表6列出了具有此种类型性别决定的动物种类。

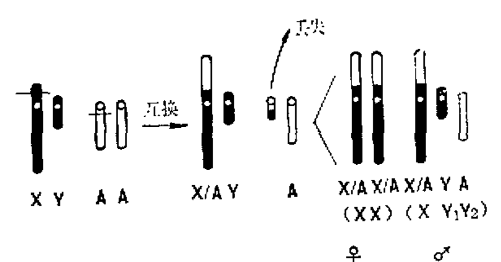


图2　XX—XY_1Y_2类型形成过程和机制

表 6　　性染色体为$XX-XY_1Y_2$类型的哺乳动物

种　　类	2n		参 考 文 献
	♀	♂	
有袋目 (Marsupialia)			
袋狸科 (Peramelidae)			
Thylacomys lagotis	18	19	Hsu et al. (1974)
袋鼠科 (Macropodidae)			Martin et al. (1967)
Wallabia bicolor	10	11	Hsu et al. (1970)
Potorous tridactylus	12	13	Charman (1963)
P. t. apicalis	12	13	Shaw et al. (1964)
食虫目 (Insertivora)			
马达加斯加猬科 (Centetidae)			
Echinops telfairi	40	41, 40	Borgankar (1967)
鼩鼱科 (Soricidae)			
Sorex araneus	20	21	Орлов, и др. (1968)
S. arcticus	32	33	Козловский, (1971)
……	36	37	—
S. cautasicus	24	25	Козловскии, и др. (1980)
S. gemellus	22	23	Schmid et al. (1982)
翼手目 (Chiroptera)			
美洲叶鼻蝠科 (Phyllostomidae)			
Choeroniscus godmani		19	Hsu et al. (1968)
Carollia castanea	20	21	Baker et al. (1971)
C. perspicillata	20	21	Hsu et al. (1968, 1969)
C. subrufa	20	21	Hsu et al. (1968)
Artibeus bilobatum	30	31	王宗仁 (1982)
A. cinereus	30	31	Baker et al. (1970)
A. jamaicensis	30	31	Hsu et al. (1968)
A. lituratus	30	31	Hsu et al. (1968, 1969)
A. l. litaratus	30	31	Becak, et al. (1969)
A. l. palmarum	30	31	Kibliski (1969)
A. magnirostrum	30	31	王宗仁 (1982)
A. toltecus	30	31	Hsu et al. (1968)
Enchisthenes hartii	30	31	Hsu et al. (1968)
Stenoderma rufum	30	31	Baker et al. (1970)
Ametrida centurio	30	31	Baker et al. (1970)

偶蹄目 (Artiodactyla)			
鹿科 (Cervidae)			
Muntiacus crinifrons	8	9	施立明等 (1983)
M. muntjak	6	7	Wurster et al. (1970)
M. m. vaginalis	6	7	施立明 (1976)
牛科 (Bovidae)			
Antilope cervicapra	30—32	31—33	Hsu et al. (1974)
Gazella dorcas	30	31	Wurster (1972)
G. granti	30	31	Hsu et al. (1975)
G. leptoceros	32	33	Hsu et al. (1977)
G. spekei	32	33	Hsu et al. (1974)
G. subgutturosa	30	31	Wurster (1972)
啮齿目 (Rodentia)			
Cricetidae 科			
Gerbillus gerbillus	42	43	Hsu et al. (1973)
G. gleaweri	50	51	Hsu et al. (1973)

5. $X_1X_1X_2X_2—X_1X_2Y$类型

与$XX—XY_1Y_2$类似，这种性染色体类型是由于Y染色体和常染色体相互易位的结果。具有$X_1X_1X_2X_2—X_1X_2Y$类型的动物共有十多种（表7）。

表7　　性染色体为$X_1X_1X_2X_2—X_1X_2Y$类型的哺乳动物

种　　类	2n		参 考 文 献
	♀	♂	
有袋目 (Marsupialia)			
袋鼠科 (Macropodidae)			
Lagorchestes conspicillatus	16	15	Martin et al. (1966)
食肉目 (Carivora)			
灵猫科 (Herpestidae)			
Herpstes brachyurus	36	35	Fredga (1970)
H. edwardsi	36	35	Ray-Chaudhuri et al. (1968)
H. fuscus	36	35	Fredga (1970)
H. javanicus	36	35	Todd (1966)
Atilax paludinosus	36	35	Todd (1967)
偶蹄目 (Artiodactyla)			
牛科 (Bovidae)			
Tragelaphus angasi	56	55	Wurster et al. (1968)
T. scriptus	34	33	Wallace (1977)
T. strepsiceros	32	31	Hsu et al. (1971)
Taurotragus oryx	32	31	Hsu et al. (1971)
啮齿目 (Rodentia)			
鼠科 (Muridae)			
Mus minutoides	36	35	Matthey (1965)

6. XX—XO类型

在XX—XO性别决定系统中，所有雄性动物只有X而没有Y，所以其二倍体染色体数目都比雌性少一条（表8）。但是值得提出的是，在较早期的研究中，曾报导过不少的XX—XO类型的动物，由于当时的技术问题，需要进一步研究确证。

表8 性染色体为XX—XO类型的哺乳动物

种 类	2n ♀	2n ♂	参考文献
单孔目 (Monotremata)			
针鼹科 (Tachyglossidae)			
Tachyglossus aculeatus	44	43	Hsu et al. (1977)
Ornithorhynchus anatinus	54	53	Bick et al. (1967)
有袋目 (Marsupialia)			
袋狸科 (Peramelidae)			
Isoodon macrourus	14	13	Hayman et al. (1969)
翼手目 (Chiroptera)			
美洲叶鼻蝠科 (Phyllostomatidae)			
Mesophylla maccomelli	22	21	Baker et al. (1970)
灵长目 (Primates)			
卷尾猴科 (Cebidae)			
Callimico goeldii	48	47	Hsu et al. (1974)
食肉目 (Carnivora)			
灵猫科 (Herpestidae)			
Herpestes auropunctatus	36	35	Hsu et al. (1970)

7. 不规则的XX—XY类型

Matthey (1953) 曾发现*Ellobius lutescens*二倍体染色体数目在雌雄两性个体中都为2n＝17。对此，White (1957) 认为在雌性有一个融合的XX成员，在雄性有一个融合的XY成员。而Castro—Sierra等人 (1968) 根据DNA复制的放射自显影研究又提出了一个另外的解释。他们认为在雄性的*E. lutescens*中，具有性别决定因子的Y节段易位到常染色体的末端(A^Y)，雄性为XAA^Y，雌性为XAA。如果雄性的*E. lutescens*具有XAA^Y，则可产生四种类型的配子：$7a+A$，$7a+A^Y$，$7a+A+X$和$7a+A^Y+X$。而具有XAA雌性动物则产生二种类型的配子，即$7a+A$和$7a+A+X$。根据随机结合原则，上述雌雄两性配子则产生六种类型的合子：

$2(14a+AA^Y+X)=$ ♂ $(2n=17)$

$2(14a+AA+X)=$ ♀ $(2n=17)$

$1(14a+AA+XX)=$ 致死 $(2n=18)$

$1(14a+AA^Y+XX)=$ 致死 $(2n=18)$

$1(14a+AA)=$ 致死 $(2n=16)$

$1(14a+AA^Y)=$ 致死 $(2n=16)$

很明显，Castro-Sierra等人的解释是不同于white的假说。不过问题并没有完全解

决，因为Ляпунова等人(1978)[9]在分析*E. lutescens*的核型时，并没有在形态上观察到一个性染色体易位到一个常染色体上。以上是属于性染色体不配对的类型。

另一类型为XY/OY—OX类型。如*Microtus oregeui* (Brown等，1964)，其雌雄两性核型有以下三种：16a+OY=17(♂)；16a+XO=17 (♀)；16a+XY=18 (♂)。但由于2n=18的XY个体在生殖细胞发育过程中发生X染色体不分离，结果在所形成的二种类型的生殖细胞中，只有16a+OY(2n=17)才能形成精原细胞，并产生8a+O和8a+Y二种精子。当上述二种精子同8a+X和8a+O二种卵子随机结合时则产生四种组合：

16a+OX=♀(2n=17)
16a+O=致死(2n=16)
16a+XY=♂(2n=18)
16a+OY=♂(2n=17)

由于第二种组合是致死的，所以只有三种核型存在。

8.性染色体多态

一般而言，常染色体多态的例子较多，而性染色体多态的例子则为数很少(表9)。从表9可见，有些动物只涉及X或Y单个性染色体多态，而另一些动物则两条性染色体都表现为多态。总之，性染色体多态的存在，可能同某些种群的性比与数量的控制有关。

表9　具有性染色体多态的哺乳动物

种类	2n ♀	2n ♂	多态的性染色体	参考文献
鲸目 (Cetacea)				
喙鲸科 (Ziphidae)				
Mesoplodon europaeus	42		X	Arnason et al. (1977)
啮齿目 (Rodentia)				
Cricetidae 科				
Akodon azarae	38	38	X	Bianchi et al. (1967)
Alticola lemminus	56	56	X, Y	Bykova et al. (1978)
鼠科 (Muridae)				
Pseudomys albocinereus	48	48	X, Y	Hsu et al. (1977)
Notomys alexis	48	48	X	Hsu et al. (1977)
Mastacomys fuscus		48	X, Y	Hsu et al. (1977)
Bandicota b. bergalensis				
	42	42	X	Pathak (1972)
B. b. kok	42	42	X, Y	Manjunatha et al. (1981)
Nesokia indica	42	42	Y	Hsu et al. (1975)
N. indica	42	42	X, Y	Kamali (1975)

四、结 束 语

根据广泛的哺乳动物染色体研究，表明其核型进化主要是由于染色体结构重组的结果。重组类型包括罗伯逊易位、串联易位、相互易位和倒位等。最近Maruyama和 Imai (1981)〔8〕在分析大量哺乳动物核型资料的基础上，又从理论上推算出染色体进化速率，认为每三百万年左右发生一次染色体数目或染色体臂数的变化。这与一个新种的演化所需要的时间基本一致。因此种的分化或新种的形成与染色体的进化之间存在着极为密切的关系。

鉴于现在已知核型的哺乳动物还不到其现存种类的一半，因此仍有大量的工作尚待继续进行。另外，在核型研究中，今后还应尽可能的采用染色体各种分带技术和方法，把染色体分析引向更精确的程度，以识别染色体结构上的微细变化，不断丰富核型资料，从而为分类与系统进化研究提供更多的细胞遗传学证据。

参 考 文 献

〔1〕 王宗仁等 1982 遗传学报 9（1）：24.
〔2〕 陈宜峰等 1981 中国灵长类染色体。科学出版社。
〔3〕 施立明等 1979 自然杂志 2（1）：6.
〔4〕 Shi Liming (施立明) 1981 MCN 22 (3):47.
〔5〕 Benirschke, K. 1969 Comparative Mammalian Cytogenetics. Springer-Verlag, New York.
〔6〕 Chiarelli, A. B. et al. 1973 Cytotaxonomy and Vertebrate Evolution. Academic Press, London. New York.
〔7〕 Hsu, T. C. et al. 1967—1977 An Atlas of Mammalian Chromosomes. Springer, New York, Vol. 1—10.
〔8〕 Maruyama, T. et al. 1981 J. Theor. Biol. 90 (1):111.
〔9〕 Ляпунова, Е. А. И ДР. 1978 Генетика 14 (11):2012.

CHROMOSOME STUDIES OF MAMMALS

Chen Yifeng and Guo Jianmin
(Kunming Institute of Zoology, Academia Sinica)

Based on the literature hitherto published, we have listed 2173 chromosome formulae, belonging to 2014 species and subspecies. of them, red muntjack (*Muntiacus muntjak*) has the lowest diploid chromosome number (2n=7♂,

本文共参阅了600多篇文献，由于篇幅所限，不能一一列出。

6♀), while fish-eating rat's (*Anotmys leander*) diploid number is as high as 2n=92, the highest record in mammals.

The karyotype analysis revealed the presence of autosomic polymorphism and supernumerary chromosomes in some species and subspecies of mammals. In respect of sex chromosomes, owing to the differences of evolutionary pathway, their sex-determinging mechanisms may be divided into the following types:

(1) XX-XY system;

(2) Isomorphism of X-and Y-chromosomes;

(3) XO-XX and XO-XY system;

(4) XX-XY_1Y_2 system;

(5) $X_1X_1X_2X_2$-X_1X_2Y system;

(6) XX-XO system;

(7) Derivations from the XX-XY system;

(8) Polymorphism of X-and Y-chromosomes.

In conclusion, the authors consider it necessary to adopt various chromosome banding techniques and methods so that the chromosomal analysis will be more accurate and we may be able to distinguish the detailed and tiny changes in chromosomal structures. In this way the karyotypic information will be greatly enriched, thus supplying more cytogenetical evidences for taxonomical and evolutionary studies.

体内姐妹染色单体互换分析

杨德一　综述　　张文郁　审阅
(天津市劳动卫生研究所)

姐妹染色单体互换（SCE）分析技术是70年代以来迅速发展起来并被人们普遍接受的一种筛检化学诱变物短期实验方法。尽管人们对于互换产生的机制和过程尚未十分明了，但是，可以肯定，它能够灵敏地反映DNA受损的情况，并为多种致癌物或诱变物所诱发。当化学诱变物或化学致癌物的浓度不能产生染色体畸变或大大低于产生染色体畸变的浓度时，仍可诱发大量SCE。这些观点得到大量实验结果的支持和拥护。迄今，世界上许多实验室仍将该方法作为一种重要的常规手段，对各种可疑的化学物质的致癌